

ABSTRAK**GENOTIPE *HUMAN PAPILLOMA VIRUS* PADA *INVASIVE CERVICAL CARCINOMA* DI RSUD. DR. SOETOMO SURABAYA****MARKUS KORE**

Latar belakang : Infeksi persisten genotipe *high risk human papilloma virus* (hrHPV) merupakan etiologi dari *invasive cervical carcinoma* (ICC) dengan prevalensi paling tinggi adalah genotipe HPV 16 dan 18. Beberapa studi terbaru di seluruh dunia dan beberapa daerah di Indonesia menunjukkan heterogenitas varian HPV yang ditemukan pada ICC.

Tujuan : Mengetahui varian genotipe HPV dan genotipe HPV yang paling sering ditemukan pada ICC di RSUD. Dr. Soetomo Surabaya.

Metode : Rancangan penelitian eksploratif menggunakan pendekatan *cross sectional*. Sampel berupa 30 blok parafin (*formalin fix paraffin embeded*=FFPE) yang diperoleh dari penderita *squamous cell carcinoma* (SCC), *adenocarcinoma* (AD) dan *adenosquamous carcinoma* (AS) serviks di RSUD Dr. Soetomo Surabaya periode Januari-Desember 2013. Sampel digunakan untuk ekstraksi DNA yang dilanjutkan PCR dan genotyping HPV.

Hasil : Hasil genotyping menunjukkan 10 positif dari SCC, 6 positif dan 4 negatif dari AD, dan 9 positif dan 1 negatif dari AS. Infeksi HPV pada SCC yaitu infeksi tunggal oleh HPV16, 18, 45, 56 dan infeksi multiple oleh HPV16+45, pada AD yaitu infeksi tunggal oleh HPV16, 18 dan infeksi *multiple* oleh HPV 68b+72 dan HPV 6+18+45, dan pada AS yaitu infeksi tunggal oleh HPV 16, 18, 45 dan infeksi multiple oleh HPV 6+59.

Kesimpulan : Infeksi HPV pada ICC yaitu infeksi tunggal oleh HPV16, 18, 45, 56 dan infeksi *multiple* oleh HPV 16+45, 68b+72, 6+18+45, 6+59. Genotipe HPV18 memiliki prevalensi paling tinggi pada penderita ICC di RSUD Dr Soetomo Surabaya, diikuti HPV 16, 6, 45, 56, 59.

Kata kunci: *Invasive cervical carcinoma*, HPV 18, infeksi tunggal, infeksi multipel HPV

ABSTRACT

GENOTYPE OF HUMAN PAPILLOMA VIRUS IN INVASIVE CERVICAL CARCINOMA AT DR. SOETOMO HOSPITAL, SURABAYA

MARKUS KORE

Background: Persistent infection with high risk human papilloma virus (HPVhr) genotype is the etiology of invasive cervical carcinoma (ICC) with the highest prevalence of genotypes HPV 16 and 18. Several recent studies worldwide and in several regions in Indonesia showed heterogeneity of HPV variants found in ICC.

Objective: To determine HPV genotype variants and HPV genotypes most commonly found in ICC, Dr. Soetomo Hospital.

Methods: Exploratory study using cross sectional approach. A sample of 30 paraffin blocks (formalin fixed paraffin embedded = FFPE) obtained from patients with cervical squamous cell carcinoma (SCC), adenocarcinoma (AD) and adenosquamous carcinoma (AS) at Dr. Soetomo Hospital from January to December 2013. Samples were used for DNA extraction followed by PCR and HPV genotyping.

Results: Results of genotyping showed 10 positive from SCC, 6 positive and 4 negative from AD, and 9 positive and one negative from AS. HPV infection in SCC comprised single infection by HPV16, 18, 45, 56 and multiple infection by HPV16+45. In AD, single infection by HPV16, 18 and multiple infection by HPV 68b+72 and HPV 6+18+45, and in AS single infection by HPV 16, 18, 45 and multiple infection by HPV 6+59.

Conclusion: HPV infections at the ICC are single infection by HPV16, 18, 45, 56 and multiple infection by HPV 16+45, 68b+72, 6+18+45, 6+59. HPV18 genotype has the highest prevalence in patients with ICC in Dr Soetomo Hospital, followed by HPV 16, 6, 45, 56, 59.

Keywords: invasive cervical carcinoma, HPV 18, HPV single infection, HPV multiple infection